FIGURE 1

Inventors: Volker SCHELLENBERGER, et al. Filing Date: October 10, 2001
Contact: David W. Maher
Contact #: (650)849-4908
Attorney Docket No.: 23623-7060
Sheet 1 of 2 ග Information Rich Library Z 4 9 လ z SPR K Which mutations Which mutations affect function? are allowed? ပ ဟ Y I S 10 11 12 13 14 15 16 probability matrix constraint surface sequence alignment substitution matrix correlation matrix prior knowledge 3D structure multiple

Inventors: Volker SCHELLENBERGER, et al.

Filing Date: October 10, 2001
Contact: David W. Maher
Contact #: (650)849-4908
Attorney Docket No.: 23623-7060
Sheet 2 of 2
FIGURE 2

FIGURE 2

| | | | | | Section 1 |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| | (1) | 1 10 | _20 | 30 | 40 52 |
| BL A sobria CAA56561 1 | (1) | MKQTRALPLLALGTL: -MMRKSLCCALLLG | | | |
| BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 | (1) | -MMKKSLCCALLLT | asfstfaal | KTEQQIADIV | NRTITPLMQEQAIP |
| BL O anthropi CAC17622 1 | (1) | MRTSTTLLIGFLTTAAV | i Pnngalaasi | (VNDGDLRRIV) | DETVRPLMAEQKIP |
| BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 | (1) | MRDTRFPCLCGIAASTL: MKKSLSATLISA | | | |
| BL Y enterolitica P45460 | (1) | -MMKKSIINTLIFTSIA | TFPLYTLAQT | LTELQVATIV | NNTLTPLLEKQGIP |
| Consensus | (1) | MKKSL LL | A | E QLA IV | · — |
| | | 53 60 | 70 8 | 10 96 | Section 2 |
| BL A sobria CAA56561 1 | (53) (48) | GMAVAVLKGGQAHYFNY | · - | | |
| BL E cloacae P05364 | (47) | GMAVAVIYQGKPHYYTF | gkadiaankp\ | TPQTLFELGS: | ISKTFTGVLGGDAI |
| BL E coil CAB36900 1 | (47) (53) | GMAVAVIYQGKPYYFTW GMAVAITIDGKSHFFGY | | | |
| BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 | (53) | GLAVAISLKGEPHYFSY | GLASKEDGRR \ | TPETLFEIGS | VSKTFTATLAGYAL |
| BL S enteriditis CAA76196 1 | (46) | GMAVAVSVKGKPYYFNY | GFADIQAKQP\ | TENTLEELGS' | VSKTFTGVLGAVSV |
| BL Y enterolitica P45460 Consensus | (52) (53) | GMAVAVFYDGKPQFFNY GMAVAV GKPHYF Y | | | VSKTFTGVAGEIAM VSKTFTGVLGGYAI |
| 00110011000 | (00) | | | | Section 3 |
| | (105) | 105 110 129 | 0 ,130 | | 156 |
| BL A sobria CAA56561 1 | (100) | VKGGFKLDDQVSGHAPW ARGEISLDDAVTRYWPQ | lkgsafdgiti Lægkomogiri | (AELATYSAGG: (LDLATYTAGG: | LPLQFPDEVDS-SD |
| BL E cloacae P05364 BL E coll CAB36900 1 | (00) | ARGEIKLSDPVTKYWPE | LIGKQWQGIRI | LHLATYTAGG | LPLOIPDDVRD-KA |
| P1 O anthroni CAC17822 1 | (105) | ATGAFSLSDPATKWAPE | LAGSSFDKITM | LDLGTYTPGG: | LPLOFPDAVTD-DS |
| BL P aeroginosa \$13408 BL S enteriditis CAA76196 1 | (105) | AKKEMALNDPAAKYQPE | LQGSRFDG131 LALPOWKGIT1 | LDLATITAGG: LDLATYTAGG: | LPLQFFDSVQKDQA LPLOVPDAVKS-RA |
| DI V anterolitica DASAGO | MAN | OTGIMNINDPUTEYAPE | LIGSOWKDVK | ILHLATYTAGG: | LPLOLPDSVTD-OK |
| Consensus | (105) | AKG M L DPVTKY PE | L GSQW GIT | LDLATYTAGG: | LPLQVPDAV D A |
| | | 157 170 | 180 | 190 | Section 4 208 |
| BL A sobria CAA56561 1 | (157) | TMRAYYRHWIPPYOAGT | OROYSNESIG | FGHLAASSLO | OPFSTLMEGTLLPA |
| DI E cinerae DOSSRA | /45M | SLLRFYONWOPOWKPGT | TRLYANASIG | LFGALAVKPSG: | MPYEOAMTTRVLKP |
| PL C anthroni CAC17822 1 | /45R1 | ALLHFYQNWQPQWTPGA SMLAYFKNWKPDYPAGT | ORRYSNESIG | .FGYLAARSMD | KPFDVLMEOKLLPA |
| 20 D agradinaca C13409 | /4571 | OTROYYROWOPTYAPGS | ORLYSNISIG | LIGILAARSLG | OPFERLMEOOVFPA |
| BL S enteriditis CAA76196 1 | (149) | STMÖAAÖÖMÖLÖMYLEA DTTMLAÖÖMÖLSKKLED | MRLYANSSIG: MRNYSNASIG: | lfgaltanaag Lfgalavkrso | MPYEQLLTARILAP LTFENYMKEYVFOP |
| Consensus | (157) | SLL YYQNWQP W PGI | RLYSNASIG | LFG LAAKSSG | MPFE LM RVL P |
| | | | | | Castles 2 |
| | | 000 000 | 220 | 240 | Section 5 |
| | (209) | 209 220 | 230 | 240 PIRVNEGMLAD | 250 260 |
| BL A sobria CAA56561 1 | (203) | LGLEHTYLQVPEAAMAR | YAFGYSKEDK | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGVKTNVODMAN |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 | (203) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAH LKLAHTWITVPONEOKI | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YAWGYREG-K | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGOLDA | 250 260 EAYGIKTGSADLIA QAYGVKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 | (203) (202) (202) (208) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDETWINVPKAEEAH LKLAETWITVPQNEQKI GLKNTTFINVPESQMKN LGLEOTHLDVPEAALAC | LYAFGYSKEDK LYAWGYRDG-K LYAWGYREG-K LYAYGYSKANK LYAYGYGKDDR | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGVKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodiginosa S13408 | (203) (202) (202) (208) (209) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAH LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC | LYAFGYSKEDK LYAWGYRDG-K LYAWGYREG-K LYAYGYSKANK LYAYGYKDDR LYAYGYKNK-K | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGQLDA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGVKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAH LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAAAA LGLSHTFITVPESAQSO LKLDHTFITIPESAQSO | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YAWGYREG-K YAYGYSKANK YAYGYGKDDR YAYGYKNK-K YAWGYKDG-Q | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVTLGMLGE | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGVKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAH LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAQ LGLSHTFITVPESAQSI LKLDHTFITIPESMQSI | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YAYGYKMK-K YAYGYKKK-K YAYGYKKDG-Q YAWGYKDG-Q YAWGYK G K | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVTLGMLGE | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR Section 6 |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (207) (209) | IGLEHTYLQVPEAAMAR LKIDHTWINVPKAEEAB LKLAHTWITVPQNEQKL FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLSHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFI VPEA AN | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K. YAWGYREG-K. IYAYGYSKANK. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. IYAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K. | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PURVSPGQLDA PURVSGGALDA PURVSPGPLDA PVRVSPGCLDA PVRVSPGLDA PVRVTLGMLGE PVRVSPG LDA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR SAYGVKTSS DMLR SAYGVKTSS DMLR 300 312 |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (207) (209) (261) (255) | IGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLSHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSS LGLDHTFI VPEA AS 281 270 FVKANISGVDDK-1 | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YYAWGYREG-K YYAYGYSKANK YYAYGYSKEN YYAYGYKKE-K YYAWGYKDG-Q IYAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PIRVSPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVTLGMLGE PVRVSPG LDA 290 GFYRIGEMSQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKS SVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR Section 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05384 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76198 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (209) (261) (255) (255) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKL FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSK LGLDHTFIT VPEA AK 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K IYAWGYKDG-Q IYAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT BLKQGIALAQS FLOOGIALAQS | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPG LDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR Section 6 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMLNWFVEANT |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB368900 1 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (209) (261) (255) (253) (253) | IGLEHTYLQVPEAAMAR LKIDHTWINVPKAEEAB LKIAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLSHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFIT VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVQANMDASHVQEK | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K Z80 ALQQAIALTHT SLKQGIALAQS TLQQGIALAQS | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGLLDA PVRVSPGLLDA PVRVTLGMLGE PVRVSPG LDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG RYWRIGSMYQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKTSS DMLR EAYGVKTSS DMLR Section 6 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMLNWPVEANT LIGWEMLNWPLKADS LIGWEFYNYPTALKT |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (207) (209) (261) (253) (253) (260) (261) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESA LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSRLEL | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YYAWGYREG-K YYAYGYSKANK YYAYGYKNK-K YYAYGYKNG-Q YYAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT SIKQGIALAQS SILQQGIALAQS DFQKAVAATHT PULEMANYLAGT | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PIRVSGGALDA PIRVSPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVTLGMLGE PVRVSPG LDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYKVGANNQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKS SVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMLNWPVEANT LIGWEMLNWPLKADS LIGWEAYDWPISLKT LIGWEAYDWPOOKDM |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76198 1 BY enterolitica P45460 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (207) (209) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESA LGLDHTFI VPEA AN 281 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMINMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGND | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YYAWGYREG-K YYAYGYSKANK YYAYGYSKEDR YYAYGYKKE-K YYAWGYKDG-Q YYAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT SIKQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS DFQKAVAATHT DLEMAMYLAQT KLKEAIIASQS | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PLRVSPGALDA PLRVSPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVTLGMLGE PVRVSPG LDA 290 GFYRIGZMSYQG RYWRIGSMYQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYKTAAINQG RYYKTAAINQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKS SVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSAADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSQDMVR LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPVEANT LGWEMLNWPLKADS LGWEFYNYPTALKT LGWEMYDWPISLKT LGWEMYDWPIQQKDM |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76198 1 BY enterolitica P45460 | (203) (202) (202) (208) (209) (201) (207) (209) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | IGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSK LGLDHTFIT VPEA AN 281 270 FVKANISGVDDK-1 WVMANMAPENVADA WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR-1 WAEMINEPSRAGNA FMQANMDPSLPFAGND | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YYAWGYREG-K YYAYGYSKANK YYAYGYSKEDR YYAYGYKKE-K YYAWGYKDG-Q YYAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT SIKQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS DFQKAVAATHT DLEMAMYLAQT KLKEAIIASQS | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVHVSPGQLDA PLRVSPGALDA PLRVSPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVTLGMLGE PVRVSPG LDA 290 GFYRIGZMSYQG RYWRIGSMYQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYKTAAINQG RYYKTAAINQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR Section 6 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMLNWPVEANT LIGWEMLNWPVEANT LIGWEMYNPPIALKT LIGWEMYDWPISLKR LIGWEMYDWPIQQKDM LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (208) (201) (207) (207) (209) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | IGLEHTYLQVPEAAMAR LKIDHTWINVPKAEEAB LKIDHTWINVPKAEEAB LKIDHTWINVPKAEEAB LKIDHTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLSHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPEAALAC WYQANNISGVDDK WVMANMAPENVADA WYQANMDASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSRLE FVELNIDS | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K Z80 ALQQAIALTHT SLKQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TFQKAVAATHT WAQALDATHR DLEMAMYLAQT KLKEAIIASQS L QAIALTQS | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PURVSPGQLDA PURVSPGQLDA PURVSPGLDA PVRVSPGLDA RYWRIGSMYQG RYWRIGSMYQG RYYKVGDMTQG RYYKVGDMTQG RYYKVGDMTQG RYYKIGDM QG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA CAYGYKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKTSS DMUR EAYGVKTSS DMUR Section 6 300 312 ELGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPVEANT ELGWEMLNWPLKADS LLGWEFYNYPTALKT ELGWEAYDWPISLKR LGWEMYDWPIQKDM ELGWEMYSWPINPQG ELGWEMY WPI T Section 7 364 |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coii CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coii CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76198 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (203) (201) (201) (207) (209) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSK LGLDHTFIT VPEA AN 281 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGND FMQANMDPESLPAGND FMQANMDPSLPAGND FMQANMDPSLPAGND FMQANMDPSLPAGND FMQANMDPSLPAGND FMQANMDPSLPAGND FMQANMDPSLPAGND TV ANMDP | YAFGYSKEDK YAWGYRDG-K YYAWGYREG-K YYAYGYSKANK YYAYGYSKANK YYAYGYKKG-K YYAWGYKDG-Q YYAWGYK G K ALQQAIALTHT SLKCGIALAQS DEQKAVAATHT PLQGIALAQS DEQKAVAATHT CLEMAWLAQT LEMAWLAQT LEMAWLAQT LEMAWLAQT LEMAWLAQT LEMAWLAQT LEMAWLAQT KLKEAIIASQS L QAIALTQS | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVRVSPGMLDA PVRVSGGALDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPG LDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG RYWRIGSMYQG GYYRUGANNQG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADDLIR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSQDMVR EAYGVKTSQDMVR LGWESYAYPVSQT LGWESYAYPVSQT LGWEMLNWPVEANT LGWEMLNWPVEANT LGWEMYDWPTALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPT Section 7 50 364 |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05384 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (202) (203) (201) (207) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFIT VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVOANLHPERLDR WAEMNNEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGNDI FV ANMDP 313 320 LLAGNS PAVSLKANPV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YYAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K IYAWGYKDG-Q IYAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT SLKQGIALAQS FLQQGIALAQS FLQQGIALAQS CEQKAVAATHT PWAQALDATHR CLEMAMYLAQT KLKEAIIASQS L QAIALTQS 330 TKFETFAAFGA | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSFGQLDA PVRVSFGLDA PVRVSFGLDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG RYYHIGDM QG RYYRIGDM QG RYYRIGDM QG RYYRIGDM QG RYYRIGDM QG RYYRIGDM QG | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKKTNVQDMAN EAYGVKSSVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMINWPUKADS LIGWEATDWPISLKR LIGWEMYDWPISLKR LIGWEMYDWPISLKR LIGWEMYDWPISLKR LIGWEMYDWPISLKR LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMY WPI Section 7 150 364 EGFGAYVAFVPAKGI |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 | (203) (202) (202) (202) (203) (201) (207) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | IGLEHTYLQVPEAAMAR LKIDHTWINVPKAEEAE LKIDHTWINVPKAEEAE LKIDHTWINVPKAEEAE LKIDHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLSHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVQANMDASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGNDI FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANPV VVEGSDSKVALAPLPV IINGSDSKVALAPLPV IINGSDSKVALAPLPA | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K. Z80 ALQQAIALTHT SLKQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQAIALTUS L QAIALTQS JCQAIALTQS TKFETPAAFGA AEVNYPPAPPVK | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVRVSPGMLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSFGLDA GFYRIGEMSQG GYYRIGEMSQG GYYRIGEMSGG GYYR | 250 260 EAYGIKTGSADLLA CAYGYKTNVCDMAN CAYGYKTNVCDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGYKTSAADLLR EGYGYKSTSQDMVR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR 300 312 ELGWESYAYPVSECT LIGWEMLNWPVSEAT LIGWEMLNWPVEANT LIGWEMYDWPTALKT LIGWEMYDWPTALKT LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG GGFGAYVAFVPAKGI GGFGSYVAFIPEKKI GGFGSYVAFVPEKKT |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coil CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coil CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76198 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coil CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 | (203) (202) (202) (202) (203) (203) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESA 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMINEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGND FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANPV VVEGSDSKVALAPLPV LINGSDSKVALAALPAT LLAGNSSDMALKSHKII | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YYAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K IYAWGYK G K Z80 ALQAIALTHT SIKQGIALAQS DEQKAVAATHT PLQGIALAQS DEQKAVAATHT ELQAIALTS LQAIALTS LQAIALTS LQAIALTS LQAIALTS LYAWGYK G K TKFETFAAFGA AEVNFPAPPVK VEVNPPAPAVK EKFDTPRQPSA | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PIRVSGGALDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA QUITA AUTOMORI Z90 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG RYYKIGDMYQG RYYKIGST | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNVQDMAN EAYGVKS SVIDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKSTSQDMVR EAYGVKTSS DMLR 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEMYDWPISLKT LGWEMYDWPISLKT LGWEMYBWPISLKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYSWPINPQG LGWEMYSWPINPQG LGWEMYSWPINPQG LGWEMYSWPINPQG LGGGAYVAFVPAKGI GGFGSYVAFVPAKGI GGFGSYVAFVPEXNL GGFGSYVAFVPEXNL GGFGSYVAFVPEXNL GGFGSYVAFVPEXNL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAB36900 1 | (203) (202) (202) (209) (201) (207) (209) (209) (255) (253) (253) (253) (256) (258) (258) (303) (303) (303) (303) (303) (303) (303) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWIIVPQNEQKL FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAG LGLESHTFITVPESAQSG LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFIT VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVQANMASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNME PSRAGNA FMQANMD PESLPAGND FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV: VVEGSDSKVALAPLPV: IINGSDSKVALAPLPV: LLAGNSSDMALKSHKI: LQAGNSTPMALQPHPV: VIADSGNDIALKPRKV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAQGYGKDG-Q. IYAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K Z80 ALQQAIALTHT BLQQIALAQS DFQKAVAATHT PWAQALDATHR DLEMAMYLAQT KLKEAIIASQS L QAIALTQS 330 TKFETPAAFGA KUKENIPAPPVK YEVNPPAPPVK YEVNPPAPPVK YEVNPPAPPVK YEVNPPAPPVK YEKPTPRQPSA ARLPAQQPYNR EKFDTPRQPSA ARLPAQQPYNR | PIRVNPGMLAD AVRASPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG GYYRIGBMYQG GYYRVGANQQG GYYRVGA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGYKTSYDDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKOMLR ESYGVKSASKOMLR EAYGVKTSS DMLR Section 6 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMLNWPLKADS LIGWEMLNWPLKADS LIGWEMYNPPTALKT LIGWEMYDWPQQKDM LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYWPI Section 7 50 364 GGFGSYVAFVPAKGI GGFGSYVAFVPEKNL IGFGAYVAFVPGRDL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAB36900 1 | (203) (202) (202) (209) (201) (207) (209) (209) (255) (253) (253) (253) (256) (258) (258) (303) (303) (303) (303) (303) (303) (303) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESAQSC LKLDHTFITVPESA 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMINEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGND FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANPV VVEGSDSKVALAPLPV LINGSDSKVALAALPAT LLAGNSSDMALKSHKII | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAQGYGKDG-Q. IYAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K Z80 ALQQAIALTHT BLQQIALAQS DFQKAVAATHT PWAQALDATHR DLEMAMYLAQT KLKEAIIASQS L QAIALTQS 330 TKFETPAAFGA KUKENIPAPPVK YEVNPPAPPVK YEVNPPAPPVK YEVNPPAPPVK YEVNPPAPPVK YEKPTPRQPSA ARLPAQQPYNR EKFDTPRQPSA ARLPAQQPYNR | PIRVNPGMLAD AVRASPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG GYYRIGBMYQG GYYRVGANQQG GYYRVGA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAB36900 1 | (203) (202) (202) (203) (209) (201) (205) (209) (201) (255) (253) (261) (252) (253) (261) (252) (253) (261) (253) (261) (261) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (203) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSS LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGNDI FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPV LINGSDSKVALAPLPV LINGSDSKVALAPLPV LLAGNSSDMALKSHKI LQAGNSTPMALQPHPV VIADSGNDIALKPRKV LIAG SS VAL P PV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK. YAQGYGKDDR. YAYGYKNK-K. YAQGYGKDDR. YAWGYKDG-Q. IYAWGYK G K. 280 ALQQAIALTHT SLRQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQAIALTQS TKFETPAAFGA AEVNFPAPVK VEVNFPAPVK EXFDTFRQPSA ARLPAPQALEG TDN-QVQFYNR EALVPAQPAVR EALVPAQPAVR EALVPAQPAVR | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA AVRVSPGMLDA PURVSPGQLDA PURVSPGGLDA PURVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG GYYRIGBMYQG GYYRIGBMYQG GYYRIGBMYQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGANNQG GYYRUGAN | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGYKTSYDDMAR QAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKOMLR ESYGVKSASKOMLR EAYGVKTSS DMLR Section 6 300 312 LIGWESYAYPVSEQT LIGWESYAYPVSEQT LIGWEMLNWPLKADS LIGWEMLNWPLKADS LIGWEMYNPPTALKT LIGWEMYDWPQQKDM LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYSWPINPQG LIGWEMYWPI Section 7 50 364 GGFGSYVAFVPAKGI GGFGSYVAFVPEKNL IGFGAYVAFVPGRDL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL IGFGAYVAFIPEKVL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coii CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coii CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coii CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76198 1 BL P aerocinosa S13408 Consensus | (203) (202) (202) (202) (203) (203) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESTTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN LGLUHTFITIPESMQSN FVANNAPENVADA WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVUDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGNDI FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANPV VVEGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV IINGSDSKVALAPLFV VIADSGNDIALKPRKV VIADSGNDIALKPRKV VIADSGNDIALKPRKV VIADSGNDIALKPRKV VIADSGNDIALKPRKV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YYAYGYSKANK YAYGYSKANK YAYGYSKNK-K YAYGYKNG-Q YAWGYK G K Z80 ALQAIALTHT SIKQGIALAQS DEQKAVAATHT YAWGYK G K ALQAIALTQS L QAIALTQS L QAIALTQS TKFETFAAFGA AEVNFPAPVK YEVNPPAPAVK EKFDTFRQPSA ARLPAFQALEG TDN-QVQPYNR EALVPAQPAVK E P P K | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PLRVGPGPLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG RYYKTAAINQG RYYKIGDM QG RYYKIGDM QG RYYKIGDM QG RYYKIGDM QG RYYKIGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (202) (203) (203) (203) (203) (255) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAG LGLESHTFITVPESAQSG LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVANNMAPENVADA WVQANMASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPA LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPA LLAGNSSDMALKSHKI LQAGNSTPMALQPHPI LLAGNSSDMALKSHKI LINGVTNEVALQPHPV VIADSGNDIALKPRV VIADSGNDIALKPRV LIAG SS VAL P PV 365 370 33 GIVMLANRNYPIEARV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAQGYGKDDR YAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT SHAQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQIALAQS ILQQIAQS ILQQIALAQS ILQQIALAQS ILQQIALAQS ILQQIALAQS ILQQIALAQS ILQQ | PIRVNPGMLAD AVRASPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG RYYRIGDMYQG RYYRIGDMYQG RYYRIGDM QG RYYR | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13406 BL S enteriditis CAA76198 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13406 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aeroginosa S13406 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E cloacae P05364 | (203) (202) (202) (202) (203) (201) (201) (202) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWIIVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAG LGLESHTFITVPESAQSG LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVQANMASHVQEK FVCANIBSSLELL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGND FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPV IINGSDSKVALAPLPV LLAGNSSDMALKSHKI LLAGNSSDMALKSHKI LUAGNSTPMALQPHRI IINGVTNEVALQPHPV VIADSGNDIALKPRKV VIADSGNDIALKPRKV VIADSGNDIALKPRKV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K YAQGYGKDDR YAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT BLRQGIALAQS TLQQGIALAQS TLQQGIALQS TLQQGIALQS TLQQGIALQS TLQQGIALQS TLQQGIALQS TLQQGIALQS TLQAIALIQS TLQGGIALQS | PIRVNPGMLAD AVRYSPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PURVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG GFYRIGEMSQG GYYRIGBMYQG GYYRVGANNQG GYYRIGDM QG ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST ASWVHKTGST | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coil CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coil CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL E cloacae P05364 BL E coil CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL E cloacae P05364 BL S enteriditis CAA76196 1 | (203) (202) (202) (202) (203) (209) (201) (205) (209) (201) (205) (255) (255) (256) (256) (256) (256) (256) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) (201) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAC LGLESHTFITVPESAQSC LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA FVELNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL FVOLNIDSSSLEL LAGNSDMALKSHAND VVEGSDSKVALAALPAN LLAGNSDMALKSHKI LQAGNSTPMALQPHRI LINGSVTPMALQPHRI LINGSVTPMALQPHRI LINGSTPMALQPHRI LINGSTPMALQPHRI LINGSTPMALQPHRI LQAGNSTPMALQPHRI LQAGNSTPMALXPHRI LQAGNSTPMALQPHRI | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K YAQGYGKDDR YAYGYKNK-Q YAQGYGKDDR YAWGYK G K 280 ALQAIALTHT SHKQEIALAQS FLQQGIALAQS FLQQGIALAQS FLQQGIALAQS FLQQGIALAQS FLQQGIALAQS FLQQAIALTES KAKEAIIASQS L QAIALTQS 330 TKFETFAAFGA AEVNFPAPAVK VEVNFPAPAVK VEVNFPAPAVK VEVNFPAPAVK EKFDTFRQPSA ARLFAQALEG TDN-QVGFYNG EALVFAQPAVR L F P K 80 39 SAAHAILSQLA EAAYHILEALQ EAAWRILEKLQ KIAYAILSGLE KIAYAILSGLE | PIRVNPGMLAD AVRVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA QGFYRIGEMSQG GYYRIGEMSQG GYYRIGEMSQG GYYRVGANNQG RYYRIGDM QG RYYRIGST ASWVHKTGST | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cloacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL P aerocinosa S13408 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerocinosa S13408 BL Y enterolitica P45460 Consensus | (203) (202) (202) (202) (203) (209) (201) (205) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAG LGLESHTFITVPESAQSG LKLDHTFITIPESMQSS LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVQANMASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGNDI FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPV LLAGNSSDMALKSHKI LQAGNSTPMALQPHPV VIADSGNDIALKPRKV LINGS SVAL P PV 365 370 33 GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKNYPNERV ATVILANKNYPNTERV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAWGYREG-K. YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K. YAQGYGKDDR YAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT SLKQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQIALIQS ILQGIALAQS ILQQIALIQS ILQGIALAQS ILQAIALTQS INGUINA ILQGIALAQS ILQAIALTQS ILQGIALAQS ILQAIALTQS ILQGIALAQS ILQAIALTQS ILQGIALAQS ILQQIALAQS ILQQ | PIRVNPGMLAD AVRAVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG RYYRIGDM QG RYPLKA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E colacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E colacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E colacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL Coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 | (203) (202) (202) (202) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKL FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAG LGLESHTFITVPESAQSG LKLDHTFITIPESMQSN LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVANNAPENVADA WVQANMASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGND FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPV IINGSDSKVALAPLPV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K YAQGYGKDDR YAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT ELQQIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQAIALTGS SICQAIALTGS ANAYILGAL L QAIALTGS ANAYILGAL L P P K 80 39 SAAHAILSQLA EAAYHILEALQ EAAWRILEKLQ KAAYRILQALD KIAYAILSGLE KAAYRILGALD KAAYRILGALD CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE | PIRVNPGMLAD AVRAVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG RYYRIGDM QG RYPLKA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |
| BL A sobria CAA56561 1 BL E cioacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13408 BL S enteriditis CAA76196 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E colacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E colacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL Y enterolitica P45460 Consensus BL A sobria CAA56561 1 BL E colacae P05364 BL E coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL Coli CAB36900 1 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL O anthropi CAC17622 1 BL P aerodinosa S13406 BL S enteriditis CAA76196 1 | (203) (202) (202) (202) (203) (203) (203) (203) (203) (203) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) (253) | LGLEHTYLQVPEAAMAR LKLDHTWINVPKAEEAE LKLAHTWITVPQNEQKI FGLKNTFINVPESQMKN LGLEQTHLDVPEAALAG LGLESHTFITVPESAQSG LKLDHTFITIPESMQSS LGLDHTFI VPEA AN 261 270 FVKANISGVDDK WVMANMAPENVADA WVQANMASHVQEK FVELNIDSSSLEL FVELNIDSSSLEL FVDANLHPERLDR WAEMNMEPSRAGNA FMQANMDPESLPAGNDI FV ANMDP 313 320 LLAGNSPAVSLKANFV VVEGSDSKVALAPLPV LLAGNSSDMALKSHKI LQAGNSTPMALQPHPV VIADSGNDIALKPRKV LINGS SVAL P PV 365 370 33 GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKSYPNPARV GIVMLANKNYPNERV ATVILANKNYPNTERV | YAFGYSKEDK YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAWGYREG-K YAYGYSKANK YAQGYGKDDR YAYGYKNK-K YAQGYGKDDR YAWGYK G K 280 ALQQAIALTHT ELQQIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQGIALAQS ILQQAIALTGS SICQAIALTGS ANAYILGAL L QAIALTGS ANAYILGAL L P P K 80 39 SAAHAILSQLA EAAYHILEALQ EAAWRILEKLQ KAAYRILQALD KIAYAILSGLE KAAYRILGALD KAAYRILGALD CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE CAAYDILGALE | PIRVNPGMLAD AVRAVSPGMLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGQLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA PVRVSPGLDA 290 GFYRIGEMSQG RYWRIGSMYQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG GYYHVGANNQG RYYRIGDM QG RYPLKA | 250 260 EAYGIKTGSADLLA QAYGKTNYQDMAN CAYGIKTTALDLAR EGYGVKTSADLLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR ESYGVKSASKDMLR SAGGION 6 300 312 LGWESYAYPVSEQT LGWESYAYPVSEQT LGWEMLNWPLKADS LGWEMLNWPLKADS LGWEAYDWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYWPISLKR LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGWEMYSWPINPQG LGWEMYWPITALKT LGGGSYVAFVPRKGI LGFGAYVAFVPRRDL LGFGAYVAFVPRRDL |